**circRNA比对统计结果：**

**======================================文件====================================**

**|-- All.mappedStat.xls 所有样本的比对效率统计表**

|-- Total Reads：Clean Reads 数目及其百分比(100%)；

|-- Mapped Reads：比对到参考基因组上的Reads数目及其在Clean Reads中占的百分比；

|-- Uniq Mapped Reads：比对到参考基因组唯一位置的Reads数目及其在Clean Reads中占的百分比；

|-- Multiple Mapped Reads：比对到参考基因组多个位置的数目及在Clean Reads中占的百分比；

|-- Reads Map to '+'：比对到参考基因组正链的Reads数目及其在Clean Reads中占的百分比；

|-- Reads Map to '-'：比对到参考基因组负链的Reads数目及其在Clean Reads中占的百分比。

**|-- \*.type.png 样本中测序Reads在基因组上不同区域的分布饼图**

图中将基因组分为外显子区、基因间区和内含子区；区域大小为Map到相应区域的Reads在所有Mapped Reads中所占的百分比。

**|-- Total\_Type.png 不同样本中测序Reads在基因组上不同区域分布直方图**

图中每个直方柱表示一个样品，粉色区域为外显子区、绿色区域为基因间区、蓝色区域为内含子区，区域的高度表示比对到该区域的Mapped Reads在所有Mapped Reads中所占的百分比。